



VARIANZA GENÉTICA ADITIVA Y DE DOMINANCIA EN PRODUCCIÓN DE LECHE EN ANIMALES HOLSTEIN PUROS Y CRUZADOS CON BROWN SWISS

ADDITIVE AND DOMINANCE GENETIC VARIANCE IN MILK PRODUCTION IN PUREBRED HOLSTEIN CATTLE AND CROSSBRED WITH BROWN SWISS

*Menéndez-Buxadera, Alberto. U Investigador Independiente, Estados Unidos.

contact@ambuxadera.com

<https://orcid.org/0000-0002-0408-4200>

Aguilar Bravo, Herbert M. Universidad Católica de Santa María: Arequipa, Perú.

haguilar@ucsm.edu.pe

<https://orcid.org/0000-0002-2161-5560>

Guerra, Reggie. Universidad de Panamá, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Zootecnia, Panamá.

reggie.guerra@up.ac.pa

<https://orcid.org/0000-0001-8471-2862>

*Autor de Correspondencia: rguerram09@gmail.com

Recibido: 27/02/2024

Aceptado: 20/05/2024

DOI <https://doi.org/10.48204/j.ia.v6n2.a5173>

RESUMEN. Los resultados de 84222 registros de producción periódica conocido como Test Day (TD) pertenecientes a 1390 vacas hijas de 72 sementales Holstein (**Ho**) y sus cruces con Brown Swiss (**Bs**) (proporción entre 50 y 100% de **Ho**) con la restricción de que cada semental tuviese al menos dos progenies y 10 TD tanto en raza pura como en cada uno de al menos dos cruzamientos. Se aplicó un modelo multiracial de regresión aleatoria (**RAMR**) de orden dos para estimar la evolución de los componentes de (co)varianza, y parámetros genéticos de los TD a lo largo de la lactancia. Los resultados de heredabilidad fueron 0.12 a 0.25 en los diferentes cruces en la trayectoria de la lactancia mientras que las correlaciones genéticas fueron positivas entre animales puros y cruzados pero diferentes de la unidad. Con la solución de este modelo se estimaron los valores genéticos (**VG**) de cada animal los cuales se expresaron como desviación (**dVG**) del **VG** del **Ho** puro, a partir de **dVG** y los correspondientes coeficientes de aditividad (**adi**) y dominancia (**dom**) se creó sistema de ecuaciones cuya solución proporcionó los **VGadi** y **VGdom** para cada animal. Este enfoque puede tener aplicación en los programas de mejora donde existen animales de diferentes proporciones de genes de razas parentales, ya que permitiría explotar la habilidad combinatoria general y específica de las mismas. El pequeño tamaño de la muestra disponible impide una generalización de esta alternativa, de manera que se sugiere otros estudios que corroboren el procedimiento aplicado.

PALABRAS CLAVE: cruzamientos, producción de leche, valor genético aditivo, dominancia.

ABSTRACT. The results of 84222 records of Test Day (TD) belonging to 1390 daughter of 72 Holstein (Ho) sires and their crosses with Brown Swiss (Bs) (proportion between 50 and 100% of Ho) restricted to those Ho sires with at least 2 progeny and 10 TD both in pure breed and in each of at least two crosses. A quadratic multiracial random regression model (RAMR) was applied to estimate the evolution of the (co)variance components, and genetic parameters of TD along the lactation. Heritability (h^2) results were $h^2 \approx 0.12$ to 0.25 in the different crosses in the lactation trajectory, while genetic correlations were positive between pure and crossbred animals, but different from unity. With the solution of this model, the breeding values (BV) of each animal were estimated, which were expressed as deviation (dVG) from the BV of pure Ho, with dVG and the corresponding coefficients of additivity (adi) and dominance (dom) a system of equations was created whose solution provided the BVadi and BVdom for each animal. This will be useful in breeding programs where there are animals of different proportions of genes from parental breeds, since it would allow the general and specific combinatorial ability of these breeds to be exploited. The small size of the available data sets precludes a generalization of this alternative, it's suggested other studies to corroborate the procedure applied.

KEYWORDS: Holstein Brown Swiss crossbreeding, milk production, additive and dominance genetic value.



INTRODUCCIÓN

En Panamá se ha manifestado una estimulante tendencia en el consumo de leche la cual es del orden de 120 litros por persona, prácticamente dos veces superior a lo logrado 15 años previos, no obstante, esto se debe a que más del 50% es de origen de importación (Vega , 2022). Para atenuar este problema las autoridades están impulsando programas de mejora con características particulares ya que se trata de distribución de machos de razas lecheras a pequeños criadores de diferentes regiones, para incentivar la producción según el Ministerio de Desarrollo Agropecuario (2021), no obstante, el alcance de tal estrategia estará limitado, si no forma parte de un sistema general que tome en cuenta todos los factores limitantes de la ganadería de Panamá señalado por Guevara (2012). Este último autor indicó que la ganadería del país presenta dos grandes problemas: uno de carácter estructural y otro más complejo debido a la ausencia de un sistema general de controles productivos centralizado y de un programa de mejora genética bien estructurado. Sobre el primero se han obtenido favorables resultados que ha provocado un aumento del 8% en la producción de leche (Ministerio de Desarrollo Agropecuario, 2021), sin embargo, el segundo problema aún persiste las limitantes según las más recientes evidencias publicadas en la región de Chiriquí (Pitty, 2023), que indican que aun cuando existe una importante variabilidad genética en producción de leche y rasgos reproductivos, estos resultados se refieren a los datos de solo un rebaño, de manera que su generalización es limitada.

La provincia de Chiriquí es la mayor cuenca lechera del país con condiciones climáticas más favorables para explotar razas más especializadas, las evidencias más recientes indican que tanto la Holstein (**Ho**) como sus cruces con Brown Swiss (**Bs**) manifiestan un buen comportamiento y que existen posibilidades de llevar a cabo un programa de selección (Guerra et al., 2020). Estas publicaciones también están referidas a pocos rebaños, no obstante, las bases de datos disponibles existen animales con diferentes cruces entre estas razas, mantenidos en las mismas condiciones lo cual conforma un material con muy buena estructura, ideal para examinar una temática muy compleja de la evaluación genética en animales de raza pura y cruzamiento, donde siempre hay incógnitas que requieren nuevas respuestas.

Aun cuando hay muchas evidencias disponibles sobre los éxitos de los programas de cruzamiento en diferentes tipos de animales de interés económico, existe una interrogante pendiente sobre el nivel de la correlación entre el valor genético (**VG**) de los animales puros y cruces (r_{pc}), que es significativamente diferentes a la unidad en una gran cantidad de caracteres de interés económico (Vitezica et al., 2016). Esta temática ha recibido mucha atención en aves (Duenk et al., 2019), porcino (Wientjes et al., 2017) y animales de carne (Quaas & Zhang, 2006). Este interés es muy adecuado para los sistemas de producción de estas especies que tienen un amplio uso de programas de cruzamiento terminal, de manera que estimar r_{pc} y en función de su magnitud incorporar la información de animales cruzados para aumentar la precisión de los **VG** y comparar estrategias de selección. En el caso del ganado lechero en el trópico, este enfoque es riesgoso, ya que asume que los componentes de (co)varianza son iguales en diferentes proporciones de genes de los grupos raciales incluidos y que los posibles efectos de interacción genotipo-ambiente no resultan importante, lo cual por definición puede sesgar los estimados del **VG**.

La estimación del valor genético multirracial (**VGMR**) basado en modelos lineales pueden estimar la importancia de los efectos genéticos aditivo, de heterosis y pérdidas por recombinación génica.



Las bases de este procedimiento fueron presentadas por Arnold et al., (1992) & Lo et al., (1997), aunque más recientemente Garcia et al., (2006); Zumbach et al., (2008) han presentado una generalización que consideramos se puede ajustar a la situación actual de las bases de datos disponibles en condiciones comerciales. El principio de estos enfoques es estimar las constantes mínimo cuadrática (*lsm*) de varios caracteres de interés económico para diferentes tipos de animales cruzados, mantenidos en las mismas condiciones ambientales, las cuales son una manifestación del efecto genético total del animal (aditividad, heterosis y pérdidas por recombinación génica), ya que por definición tales *lsm* están libre de cualquier efecto ambiental. En estos casos se siguen los principios establecidos por Dickerson (1969) mediante el cálculo del nivel de Heterocigosis en el animal que produce el registro, que se define como la proporción de genes presentes cuyo origen es de diferentes razas. De esta forma se estiman los coeficientes de cruzamientos (*coef*) los que a posteriori se emplean como covariables en un modelo de regresión. El trabajo de Robison, McDaniel & Rincón (1981), así como el de Ahlborn-Greier & Hohenboken (1991) proporcionan ejemplos detallados de este procedimiento con estimaciones de los componentes genéticos de aditividad y heterosis en el cruce de dos razas lecheras. Otro método simple pero eficaz fue aplicado por Boichard et al., (1993) a datos poblacionales de diferentes grados de cruzamiento de ganado Holstein origen de Estados Unidos y Francia que se basa en un expresar los *lsm* (en tal caso referidos a los Valores Genéticos de los sementales) como función de los correspondientes *coef* de sus progenies y resolver el sistema de ecuaciones.

El objetivo de este artículo es aplicar el mismo punto de vista de este último autor y estimar los componentes de (co)varianza para efectos genéticos aditivos y de dominancia sobre la producción de leche de animales Ho y sus cruces con Bs, así como las relaciones entre el valor genético estimado en animales puros y cruzados de ambas razas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para este análisis se emplearon los datos de producción de leche de los animales Ho y sus cruces con Bs, descritos y depurados previamente por Guerra et al., (2020). De este conjunto se seleccionaron 84222 registros de producción periódica conocido como Test Day (TD) pertenecientes a 1390 vacas hijas de 72 sementales Ho con el requisito que tuvieran al menos dos progenies y 10 TD tanto en raza pura como en cada uno de al menos dos cruzamientos y cuyo balance general se presenta en la tabla 1. Los datos empleados aun cuando no son muy numerosos, los cuatro genotipos analizados están relativamente bien distribuidos, aunque la mayor proporción de observaciones pertenecen a Ho cuyos sementales están representados en todos diferentes los cruzamientos, elemento que debe resaltarse porque conforma la conexión entre todos los animales. El pedigree contenía un total de 1491 animales básicamente relacionados por la vía padre de las vacas.

Tabla 1

*Distribución de los datos de progenies y número de controles por genotipo**

Genotipos**	f ₁	Genotipos**			
		50Ho50Bs	75Ho25Bs	87.5Ho12.5Bs	100Ho0Bs
50Ho50Bs	f ₁	20	10	14	20



75Ho25Bs	f ₂	45	13	33
87.5Ho12.5Bs	f ₃		44	45
100Ho0Bs	f ₄			72
Numero vacas	73	72	78	1064
Numero de TD	3543	4255	4812	71612

*en la diagonal el número de sementales Holstein para cada genotipo y encima los comunes.

** por razones de facilidad se abreviarán como f1; f2; f3 y f4.

Los cuatro genotipos manifiestan una escala de proporción de genes Ho que varía entre 50 al 100 por ciento, de manera que los datos de la tabla 1 no son directamente comparables en términos absolutos ya que son manifestaciones de las proporciones de genes presentes en cada animal cuyos efectos se asumen pueden ser genéticos aditivos (*p*) y de heterosis (*h*) cuyos coeficientes (tabla 2) se estimaron según la estrategia de Ahlborn et al., (1991).

Tabla 2

Coefficientes genéticos de los genotipos representados.

Genotipo	Aditividad* ($p_s^{Ho} - p_s^{Bs}$)	Heterosis* $1-(p_s^{Ho} * p_s^{Bs})$
50Ho50Bs	(0.5-0.5) = 0	$1-(1*0) = 1.0$
75Ho25Bs	(0.75-0.25) = 0.5	$1-(1*0.25) = 0.75$
87.5Ho12.5Bs	(0.875-0.125) = 0.75	$1-(1*0.75) = 0.25$
100Ho0Bs	(1-0) = 1.0	$1-(1*1) = 0.0$

*los coeficientes de aditividad y heterosis se estima según la proporción de la raza Ho y Bs en el individuo y se expresa como desviación del Ho.

Dada la naturaleza de los datos disponibles el análisis estadístico se realizó por etapas. Inicialmente, se aplicó un modelo multirracial de regresión aleatoria, el cual sirvió para conocer las posibles variaciones de los TD a lo largo de una escala de la lactancia, cuyas primeras evidencias ya se habían indicado para estos cruces (Guerra et al., 2020) que indicaban la existencia de heterogeneidad en la forma de la curva de lactancia, de manera que lo más prudente es estimar los componentes de (co)varianza genética entre los diferentes cruzamientos representados y posteriormente profundizar en importancia de la aditividad y heterosis eliminando esos posibles sesgos.

Para estos propósitos se aplicó un modelo animal multi racial de regresión aleatoria (RAMR) aplicando Asreml 4.2 (Gilmour et al., 2021), asumiendo los resultados de cada genotipo como diferentes caracteres, la formulación fue la siguiente:

$$Y = X\beta + \sum_{r=0}^3 \Phi_r + \sum_{r=0}^2 \Phi_r K_g \mu_a + W_{p_1}^i + E_{e_1}^i$$

donde

Y_{jk}^i representa la jk^{th} observación del a^{th} animal para cada i^{th} genotipo representados, en este caso $f_1 = 50Ho50Bs$; $f_2 = 75Ho25Bs$; $f_3=87.5Ho12.5Bs$ y $f_4=100Ho0Bs$

β_i representa los efectos fijos del número de lactancia (1,2...4 clases) y los grupos contemporáneos del rebaño-año y mes de control de TD (264 niveles), así como un efecto fijo de polinomio



Legendre (Φ) de orden $r = 3$ ($\sum_{r=0}^3 \Phi_r$) para estimar la curva de lactancia de la población la cual fue expresada en valores de cada decena ($dimd = 1, 2, 3 \dots 30$).

a_i es el efecto aleatorio del animal con datos y sus antecesores sin información, que fue modelado mediante un polinomio de Legendre de orden $r=2$ ($\sum_{r=0}^2 \Phi_r K_g \mu_a$) de la desviación de TD de cada animal respecto a la curva de la población.

p_i es un efecto aleatorio de ambiente permanente no correlacionado debido a repeticiones del mismo rasgo en el animal, con dos niveles (cruzados y puros).

$R_{e_i}^i$ es un efecto residual aleatorio heterogéneo con dos niveles (cruces y puros).

X^i , K_g , W^i y E^i son matrices de incidencia que relacionan los efectos fijos y aleatorios con el vector de datos.

En este modelo los componentes de (co)varianzas esperadas son:

$$V \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \\ f_3 \\ f_4 \end{bmatrix} = A \otimes K_g = \Phi_i \begin{bmatrix} K_{f_1} & K_{12} & K_{13} & K_{f_{14}} \\ K_{21} & K_{f_2} & K_{23} & K_{24} \\ K_{31} & K_{32} & K_{f_3} & K_{34} \\ K_{f_{41}} & K_{f_{42}} & K_{f_{43}} & K_{f_4} \end{bmatrix} \Phi_i' + I_p \begin{bmatrix} \sigma_{g_1}^2 \\ \sigma_{g_2}^2 \end{bmatrix} + E_i \begin{bmatrix} \sigma_{r_1}^2 \\ \sigma_{r_2}^2 \end{bmatrix}$$

En el cual A es el denominador de la matriz de parentesco, K_g se utilizó para simbolizar una compleja matriz simétrica de 12×12 compuesta por cuatro sub matrices que contienen los elementos propios de una ecuación de regresión aleatoria de orden $r=2$ para cada genotipo en la diagonal y entre genotipos fuera de la diagonal. Los resultados de esta K_g proporcionan los componentes de (co)varianza genéticos del intercepto, la pendiente y el termino cuadrático con varianzas $\sigma_{a_o}^2$, $\sigma_{a_s}^2$ y $\sigma_{a_q}^2$ y sus respectivas covarianzas $\sigma_{p_{a_{so}}}$; $\sigma_{p_{sq}}$ y $\sigma_{a_{oq}}$ tanto intra como entre cada uno de los cuatro genotipos representados en la base de datos. Φ_i son los coeficientes del polinomio de Legendre de orden $r=2$ necesario para estimar los componentes de (co)varianza para los TD a lo largo de la lactancia. I_p es una matriz unitaria para los efectos aleatorios no correlacionados de ambiente permanente en animales cruzados y puros con varianzas $\sigma_{g_1}^2$ y $\sigma_{g_2}^2$ respectivamente. Finalmente, en el modelo se incluye varianza residual heterogénea ($\sigma_{r_1}^2$ y $\sigma_{r_2}^2$) para los registros de animales cruzados y puros.

La estimación de los componentes de (co)varianza a lo largo de la trayectoria de i^{th} $dimd$ se lleva a cabo mediante un procedimiento propuesto por Jamrozik et al. (1997).

$\sigma_{a_i}^2 = \Phi_i K_g \Phi_i'$ para las varianzas genéticas para cada genotipo a lo largo de $dimd$.

$\sigma_{a_{ij}} = \Phi_i K_g \Phi_j'$ para las (co)varianzas genéticas entre cada uno de los genotipos para cada punto de $dimd$.

A partir de estos indicadores y aplicando formulas clásicas se estiman la heredabilidad (h^2) y correlaciones genéticas (r_g) de cada TD a lo largo de la trayectoria de los i^{th} $dimd$ tanto intra como entre genotipos que están contenidos en los coeficientes del polinomio Φ_i tomando en consideración la varianza de ambiente permanente y residual correspondiente.



$$h_i^2 = \frac{\Phi_i K_p \Phi_i'}{\Phi_i K_g \Phi_i' + \sigma_{g_i}^2 + \sigma_{e_i}^2} \text{ y } r_{gij} = \frac{\Phi_i K_p \Phi_i'}{\sqrt{\Phi_i K_g \Phi_i' * \Phi_j K_g \Phi_j'}}$$

Con este procedimiento se estiman los componentes de (co)varianza y los parámetros genéticos indicados, al mismo tiempo con la solución de este modelo se estiman la función genética $f_{a_i} = [a_0 \text{ a}_s \text{ a}_q]$ para cada animal las cuales se pueden combinar con los elementos individuales de Φ_i que en este ejemplo solo interesa la correspondiente suma para estimar VGa_i para producción de leche acumulada a 300 días de lactancia:

$$VGa_i = 10 * \sum_{i=1}^{30} \Phi_i f_{a_i}$$

El VGa_i representa el mérito genético total de cada animal y su magnitud refleja la acumulación de efectos debidas a la proporción genética de aditividad y de dominancia que está presente en cada animal según se mostró en la tabla 2.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Solo a título informativo general los indicadores de la producción de leche diaria y total acumulada a 300 días de lactancia se presentan en la Tabla 3.

Tabla 3

Resultados productivos de animales Holstein y cruzados con B. Swiss de la muestra estudiada, expresados como desviación de la Holstein.

	Producción diaria kg	Producción acumulada kg
50Ho50Bs	-1.114	-345
75Ho25Bs	-0.702	-220
87.5Ho12.5Bs	-0.239	-75
100Ho0Bs	0	0

En la muestra estudiada el comportamiento de los genotipos representados fue superiores a los publicados en Costa Rica (Vargas et al., 2010), no se considera necesario más detalles pues no es el objetivo del artículo. La respuesta de ambos indicadores es negativa, de manera que, en la base de datos empleada, los cruzamientos con Bs no superan al Ho puro.

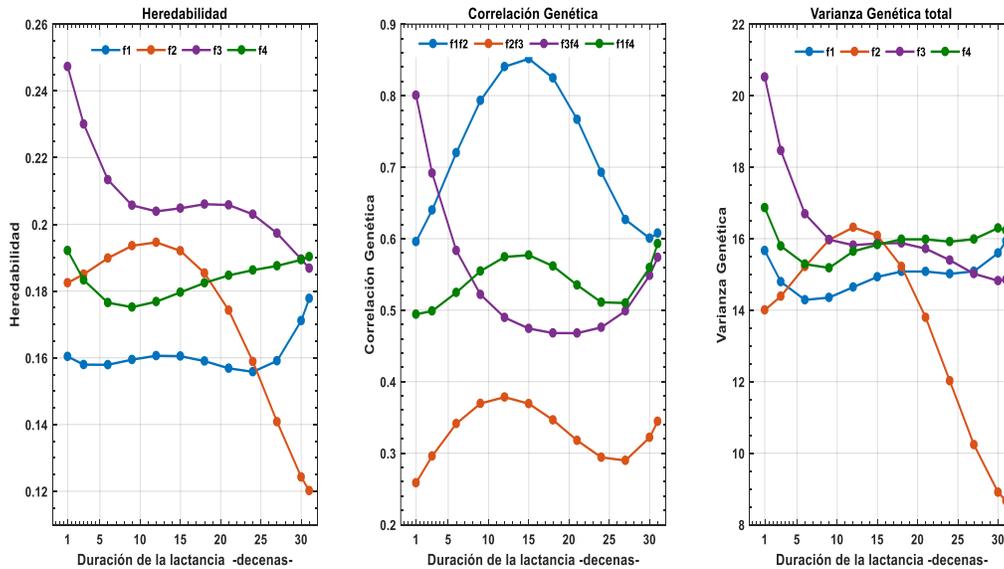
El modelo RAMR de orden $r=2$ fue el de mejor ajuste a los datos y los estimados de h^2 y r_g de los TD en cada dimd y genotipo se presenta en la Figura 1. Los resultados del modelo RAMR evidencian dos aspectos importantes: por un lado, se manifiesta heterogeneidad en los componentes de (co)varianza no solo a lo largo de la lactancia sino también que esta tendencia no es la misma entre los genotipos representados, dado que los respectivos *coef* no son iguales. Esta respuesta encontrada, aun cuando la muestra estudiada es reducida, es similar a la presentado por Vanderick et al. (2009) para animales lecheros Holstein, Jersey y sus cruces en Nueva Zelandia y Ribeiro et al. (2019) en cruces entre Holstein y Gyr en Brasil. Al mismo tiempo, estos resultados



indican que las correlaciones entre animales puros y cruzados (r_{pc}) es diferente a la unidad, por tanto, el significado del VGa_i no representa exactamente el mismo valor esperado en los diferentes cruzamientos, en correspondencia con las publicaciones de Karoui et al. (2012) y Pereira et al. (2017).

Figura 1

Parámetros genéticos para los cuatro genotipos, estimado por un modelo de regresión multicarácter y un polinomio de Legendre de orden 2 a lo largo de la lactancia.

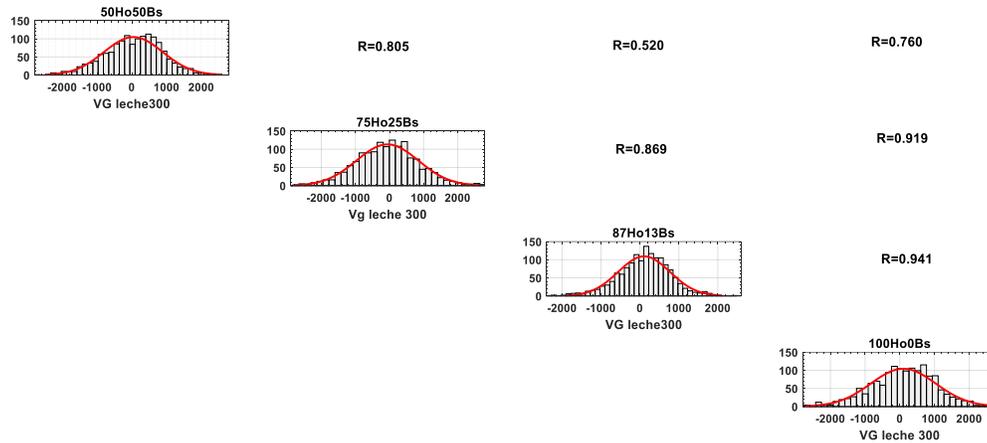


Estos resultados corroboran las preocupaciones brindadas en la introducción respecto a esta temática y su importancia en la valoración genética en este tipo de animales puros y cruzados.

Con la solución de este RAMR se puede estimar el mérito de cada genotipo para TD, los cuales representan la combinación del componente genético de aditividad y de dominancia de TD a lo largo de la lactancia. Sin embargo, en términos prácticos este resultado puede ser muy complejo de utilizar ya que se trata de una expresión longitudinal cuya manifestación cobra más importancia cuando se mide en términos de sus efectos acumulados, generalmente producción de leche total de la lactancia. En tal sentido, se estimaron los VGa_i de cada animal a 300 días de lactancia según el procedimiento presentado en la sesión previa y los resultados de distribución de frecuencia, así como las correlaciones entre los grupos de animales se presenta en la Figura 2. Los resultados demuestran la existencia de una importante variabilidad entre todos los animales de cada genotipo del orden entre -2500 a +2400 kgs, ligeramente superior para los animales Holstein puros y una relación positiva pero diferente de la unidad entre los mismos.

Figura 2

Variabilidad de cada genético en sus Valores Genéticos para leche en 300 días de lactancia y correlaciones entre los mismos.

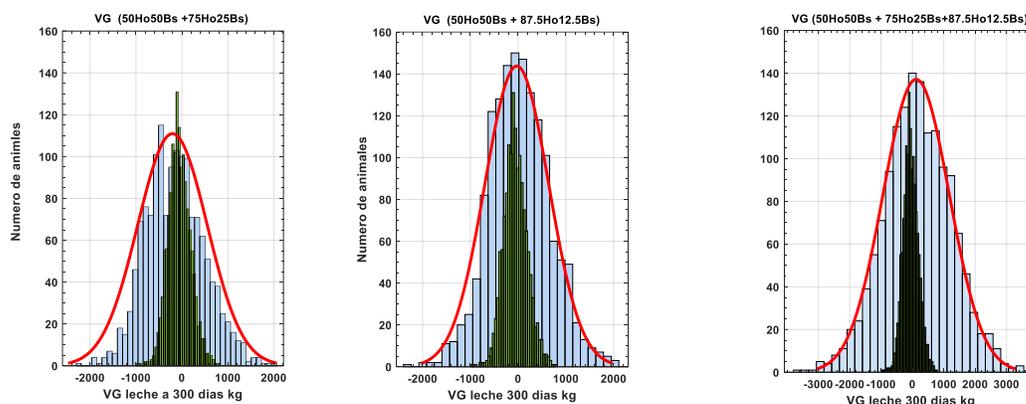


La solución RAMR aplicado permite estimar de VG_i ajustado por todos los efectos ambientales incluidos en el modelo, de manera que representa el Valor Genético Total (VG_{tot}) de cada animal que debe interpretarse como la contribución conjunta de los correspondientes Valores Genético de Aditividad (VG_{adi}) y Dominancia (VG_{dom}) de cada cruce, de manera que $VG_{tot} = (VG_{adi} + VG_{dom})$. Una posible solución puede obtenerse incorporando al modelo RAMR los efectos de grupo genético (Vanderick et al., 2009) ligados al animal puro (Q_{ga}) y al cruzado (S_{gd}) en cuyo caso la solución proporciona una estimación directa de VG_{adi} y de VG_{dom} las cuales se pueden sumar. Esta metodología aun cuando ha demostrado su utilidad (Vanderick et al., 2009; Strandén et al., 2013), puede no ser robusta debido a que asume que las diferentes proporciones de genes de diferentes razas presentes en el animal manifiestan un efecto homogéneo, lo cual puede ser un riesgo en el caso de animales lecheros, particularmente en condiciones de los programas llevados a cabo en países tropicales donde los sistemas de controles o no son adecuados o no contienen la información necesaria para conformar ambos grupos genéticos.

En la muestra representada se han estimado los VG_{tot} de cuatro genotipos cuyos resultados se pueden expresar como desviación del Holstein puro, las tres diferencias resultantes conforman un vector de 1491×3 que difieren en sus *coef* (ver tabla 2) y este sistema de ecuaciones se puede resolver aplicando la misma estrategia de Boichard et al. (1993) y los resultados se ilustran en la Figura 4 para diferentes combinaciones de cruzamientos y el total.

**Figura 4**

Distribución de frecuencia de los Valores Genético Aditivos █, Valor de Dominancia █ y Total █.



Los resultados manifiestan una distribución normal en los tres componentes de VG_{tot} , sin embargo, la variabilidad fue mayor cuando se emplean las tres desviaciones de conjunto. Respecto a VG_{dom} manifiesta la misma variabilidad en las tres estimaciones y en general representan el 28.4% de las variaciones en VG_{tot} , magnitud en modo alguno despreciable.

Los resultados de VG_{tot} deben interpretarse como las diferencias genéticas totales entre los genotipos representados en este estudio, identificando lo correspondiente a efectos de VG_{adi} y VG_{dom} . Este enfoque es diferente al método más usual en análisis multi racial donde los valores genéticos estiman simultáneamente los efectos raciales totales y de heterosis, asumiendo que son los mismos a lo largo de las diferentes proporciones de las razas (Newman et al., 2000). Los resultados actuales sugieren que tal procedimiento puede ser sesgado ya que existen diferencias debida al componente aditivo cuyos efectos pueden variar a lo largo de la proporción de genes de la raza mejoradora, la Ho en este ejemplo, mientras que los efectos de dominancia se mantuvieron constantes. El efecto de VG_{dom} no debe interpretarse como equivalente a heterosis la cual se relaciona con el comportamiento superior que manifiesta el animal respecto a la media de sus padres, mientras que VG_{dom} es un efecto total debido a la frecuencia de genes de diferentes progenitores.

CONCLUSIONES

El trabajo realizado demuestra que los estimados de h^2 y componentes de (co)varianza varían a lo largo de la proporción racial entre el Ho y Bs representadas en este análisis, al mismo tiempo las r_{pc} son positivas pero diferentes a la unidad, de manera que los mejores animales en raza pura no son los mejores en cruzamiento. Con los Valores Genéticos (VG) de los animales cruzados expresados como desviación de los puros se pudieron estimar los VG de efectos de aditividad (VG_{adi}) y de dominancia (VG_{dom}), los cuales se pueden sumar para conformar el VG_{tot} , este enfoque puede tener aplicación en los programas de mejora ya que permitiría explotar la habilidad combinatoria general y específica de las razas incluidas. El pequeño tamaño de la muestra disponible impide una generalización de esta alternativa, de manera que se sugiere otros estudios que corroboren el enfoque aplicado.



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arnold, J. W., Bertrand, J. K., & Benyshek, L. L. (1992). Animal model for genetic evaluation of multibreed data. *J Anim Sci* 1992. 70: 3322-3332.
- Ahlborn-Greier, G., & Hohenboken, W. (1991). Additive in dairy and nonadditive cattle: evidence genetic effects on milk production for major individual heterosis effects. *J Dairy Sci* 74: 592-402.
- Boichard, D., Bonaiti, B., & Barbat, A. (1993). Effect of Holstein Crossbreeding in the French Black and White Cattle Population. *J Dairy Sci* 76: 1157-1162.
- Dickerson, G. E. (1969). Experimental approaches in utilising breed resources. *Anim. Breed. Abstr.* 37:191.
- Duenk, P., Calus, M., & Wientjes, Y. (2019). Validation of genomic predictions for body weight in broilers using crossbred information and considering breed-of-origin of alleles. *Genet Sel E*.51-38. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0481-7>
- García, L. & Toro, A. (2006). Multibreed analysis by splitting the breeding values. *Genet. Sel. E*. 38: 601–615. https://link.springer.com/article/10.1186/1297-9686-38-6-601&hl=es&sa=T&oi=gsb&ct=res&cd=0&d=7787222108209655603&ei=SZ7aZf2JE_-By9YPjPqUqAg&scisig=AFWwaebOT9bESrRYtKfsMj3AOohM
- Gilmour, A., Cullis, B., Welham, S., Gogel, B., & Thompson, R. (2021). An efficient computing strategy for prediction in mixed linear models, *Computational Statistics & Data Analysis* 44:571-586. [https://doi.org/10.1016/S0167-9473\(02\)00258-X](https://doi.org/10.1016/S0167-9473(02)00258-X)
- Guerra, R. y Menéndez-Buxadera, A. (2020). Análisis comparativo de la repetibilidad para producción de leche en ganado Holstein puro o cruzado con Brown Swiss y Jersey en la cuenca lechera de Chiriquí. *Revista Investigaciones Agropecuarias* 3(1):. 12-29.
- Guevara, D. (2012). Desafíos para la consolidación de la cadena de leche. En: *Cadena Agroalimentaria de la leche Panamá*. MIDA, p. 31.
- Jamrozik, J., & Schaeffer, L. (1997). Estimates of Genetic Parameters for a Test Day Model with Random Regressions for Yield Traits of First Lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 80(4): 762-770.
- Karoui, S. Carabaño, M., Díaz, C., & Legarra, L. (2012). Joint genomic evaluation of French dairy cattle breeds using multiple-trait models. *Genetics Selection Evolution* 2012, 44:39.
- Lo, L., Horton, B., & Stutz, J. (1997). Genetic analysis of heterosis in dairy cattle. *Journal of Animal Science*, 75(4), 987-995.
- Ministerio de Desarrollo Agropecuario. (2021). Unidad técnica de cadenas agroalimentarias. Disponible em <https://mida.gob.pa/unidad-tecnica-de-cadenas-agroalimentarias/>.



- Newman, A., & Reverte, A. (2000). Practical aspects of crossbred genetic evaluation. "Hybrid Breeding and Genetics of Forest Trees" Proceedings of QFRI/CRC-SPF Symposium. Noosa. Queensland, Australia, 303-315.
- Pereira, I., Cruz, I., Rupprechter, G., & Meikle, A. (2017). Salud y eficiencia reproductiva de vacas lecheras en sistemas de base pastoril de florida. <http://www.spluy.com/documentos/articulos/salud/Pereira2017.pdf>
- Pitty, C. (2023). Interacción genotipo-ambiente en sementales Holstein utilizados en la cuenca lechera de Chiriquí. Tesis de grado: Universidad de Panamá, Facultad de Ciencias Agropecuarias, 73 p.
- Quaas, R., & Zhang, Z. (2006). Multibreed genetic evaluation in the US beef cattle context: Methodology. Proc. 8th World Congr. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, Brazil. Communication 24-12.
- Ribeiro, V., Raidan, S., Barbosa, A., Silva, M., Cardoso, F., & Toral, F. (2019). Multiple trait and random regression models using linear splines for genetic evaluation of multiple breed populations. *Journal of Dairy Science*, 102(1), 464-475.
- Robison, O., McDaniel, B., & Rincon, E. (1981). Estimation of direct and maternal additive and heterotic effects from crossbreeding experiments in animals. *Journal Animal Science*. 52(1), 44-50.
- Stranden, I., & Mantysaari, E. (2013). Use of random regression model as an alternative for multibreed relationship matrix. *J. Anim. Breed. Genet.* 130: 4-9.
- Vanderick, S., Harris, B., Pryce, J., & Gengler, N. (2009). Estimation of test-day model (co)variance components across breeds using New Zealand dairy cattle data. *J. Dairy Sci.* 92:1240-1252.
- Vargas, B., & Romero, J. (2010). Efectos genéticos aditivos y no aditivos en cruces rotacionales Holstein×Jersey y Holstein×Pardo Suizo. *Agronomía Mesoamericana*, 21(2): 223-234.
- Vega, R. (2022). Pronóstico de la producción de leche en Panamá mediante el uso de series de tiempo Forecast of milk. *Visión Antataura*, 6(1): 1-15. <http://portal.amelica.org/ameli/journal/225/2253327024/>
- Vitezica, Z., Varona, L., Elsen, J., Misztal, I., Herring, W., & Legarra, A. (2016). Genomic BLUP including additive and dominant variation in purebreds and F1 crossbreds, with an application in pigs. *Genet Sel.* (6): 2-8. <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-016-0185-1>
- Wientjes, Y., Veerkamp, R., Calus, M., & Bijma, P. (2017). Analysis of heterosis for milk yield in dairy cattle using a full pedigree and genomic model. *Journal of Dairy Science*, 100(12): 9912-9924.



Zumbach, B., Tsuruta, S., Misztal, I., & Peters, K. (2008). Use of a test day model for dairy goat milk yield across lactation in Germany. *J. Anim. Breed. Genet.* 125: 160-167.
<https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00718.x>